

# APPLICATION UNDER UNITED STATES PATENT LAWS

Atty. Dkt. No. PW 280108  
(M#)

Invention: Neue für das mikE17-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Inventor (s): Mike FARWICK  
Klaus HUTHMACHER  
Walter PFEFFERLE

Pillsbury Winthrop LLP  
Intellectual Property Group  
1100 New York Avenue, NW  
Ninth Floor  
Washington, DC 20005-3918  
Attorneys  
Telephone: (202) 861-3000

101144-1 0925260

This is a:

- Provisional Application
- Regular Utility Application
- Continuing Application
  - The contents of the parent are incorporated by reference
- PCT National Phase Application
- Design Application
- Reissue Application
- Plant Application
- Substitute Specification  
Sub. Spec Filed \_\_\_\_\_  
in App. No. \_\_\_\_\_ / \_\_\_\_\_
- Marked up Specification re  
Sub. Spec. filed \_\_\_\_\_  
In App. No. \_\_\_\_\_ / \_\_\_\_\_

## SPECIFICATION

Neue für das mikE17-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das mikE17-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren

5 unter Verwendung von Bakterien, in denen das mikE17-Gen abgeschwächt wird.

Stand der Technik

L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, daß Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere Corynebacterium glutamicum, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie zum Beispiel die

15 20 Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch zum Beispiel Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

25 Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und die 30 Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinannten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-

Aminosäure produzierenden Stämmen von Corynebacterium eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.

5 Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

10 Werden im folgenden L-Aminosäuren oder Aminosäuren erwähnt, sind damit eine oder mehrere Aminosäuren einschließlich ihrer Salze, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-  
15 Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin gemeint. Besonders bevorzugt ist/sind L-Lysin.

Wenn im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt werden, sind damit nicht nur die Basen, sondern auch die Salze wie z.B.

20 Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das mikE17-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

25 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,  
b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70%  
30 identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,

c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den  
Polynukleotiden von a) oder b), und  
d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15  
aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz  
von a), b) oder c),

wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des  
Transkriptionsregulators MikE17 aufweist.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das oben genannte  
Polynukleotid, wobei es sich bevorzugt um eine  
replizierbare DNA handelt, enthaltend:

(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No.1,  
oder  
(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i)  
innerhalb des Bereichs der Degeneration des  
genetischen Kodes entspricht, oder  
15 (iii) mindestens eine Sequenz, die mit den zu den  
Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen  
hybridisiert, und gegebenenfalls  
(iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

20 Weitere Gegenstände sind:

ein replizierbares Polynukleotid, insbesondere DNA,  
enthaltend die Nukleotidsequenz, wie in SEQ ID No.1  
dargestellt;

25 ein Polynukleotid, das für ein Polypeptid  
kodiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2  
dargestellt, enthält;

ein Vektor, enthaltend Teile des erfindungsgemäßen  
Polynukleotids, mindestens aber 15 aufeinanderfolgende  
Nukleotide der beanspruchten Sequenz,

und coryneforme Bakterien, in denen das mikE17-Gen, insbesondere durch eine Insertion oder Deletion, abgeschwächt ist.

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank eines coryneformen Bakteriums, die das vollständige Gen oder Teile davon enthält, mit einer Sonde, die die Sequenz des erfindungsgemäßigen Polynukleotids gemäß SEQ ID No.1 oder ein Fragment davon . enthält und Isolierung der genannten Polynukleotidsequenz.

Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind als Hybridisierungssonden für RNA, cDNA und DNA geeignet, um Nukleinsäuren beziehungsweise

- 15 Polynukleotide oder Gene in voller Länge zu isolieren, die für den Transkriptionsregulator MikE17 kodieren, oder um solche Nukleinsäuren beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des mikE17-Gens aufweisen.
- 20 Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für den Transkriptionsregulator MikE17 kodieren.
- 25 Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.
- 30 „Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

„Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es

sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Die Polynukleotide gemäß Erfundung schließen ein Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder ein daraus

5 hergestelltes Fragment und auch solche ein, die zu wenigstens 70%, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders zu wenigstens 90% bis 95% identisch sind mit dem Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder eines daraus hergestellten Fragments.

10 Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Die Polypeptide gemäß Erfundung schließen ein Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der

15 biologischen Aktivität des Transkriptionsregulators MikE17 und auch solche ein, die zu wenigstens 70%, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders zu wenigstens 90% bis 95% identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

20 Die Erfundung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, 25 L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits Aminosäuren produzieren und in denen die für das mikE17-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet oder auf niedrigem Niveau exprimiert werden.

30 Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die

entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Gen oder 5 Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können Aminosäuren aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder 10 aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung Corynebacterium handeln. Bei der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, 15 L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum* (*C. glutamicum*), sind besonders die bekannten Wildtypstämme

- 20      *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032
- Corynebacterium acetoglutamicum* ATCC15806
- Corynebacterium acetoacidophilum* ATCC13870
- Corynebacterium melassecola* ATCC17965
- Corynebacterium thermoaminogenes* FERM BP-1539
- Brevibacterium flavum* ATCC14067
- 25      *Brevibacterium lactofermentum* ATCC13869 und  
            *Brevibacterium divaricatum* ATCC14020

und daraus hergestellte L-Aminosäuren produzierende Mutanten beziehungsweise Stämme.

Das neue, für den Transkriptionsregulator *MikE17* 30 kodierende *mikE17*-Gen von *C. glutamicum* wurde isoliert.

Zur Isolierung des *mikE17*-Gens oder auch anderer Gene von *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *Escherichia coli* (*E. coli*) angelegt. Das

Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, 5 Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in  $\lambda$ -Vektoren angelegt wurde.

10 Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im *E. coli* K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 15 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde.

Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326 (1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032 unter Verwendung des Cosmides pHC79 (Hohn und Collins, 1980, Gene 11, 291-298).

20 Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, 1979, Life Sciences, 25, 807-818) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirt eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und 25 rekombinationsdefekt sind wie beispielsweise der Stamm DH5 $\alpha$ mcr, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden oder anderen  $\lambda$ -Vektoren klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend 30 wiederum in gängige für die DNA-Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74:5463-5467, 1977) beschrieben ist.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z.B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232(1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder 5 dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) untersucht werden.

Die neue für das mikE17-Gen kodierende DNA-Sequenz von C. glutamicum wurde gefunden, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der 10 vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des mikE17-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch 15 die Degeneriertheit des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche 20 wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d.h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, 25 daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 30 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID No. 2 ergeben, sind 35 ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im  
10 Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH  
(Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al.  
(International Journal of Systematic Bacteriology 41: 255-  
260 (1991)). Die Hybridisierung findet unter stringenten  
15 Bedingungen statt, das heisst, es werden nur Hybride gebildet, bei denen Sonde und Zielsequenz, d. h. die mit der Sonde behandelten Polynukleotide, mindestens 70% identisch sind. Es ist bekannt, dass die Stringenz der Hybridisierung einschließlich der Waschschrifte durch  
20 Variieren der Pufferzusammensetzung, der Temperatur und der Salzkonzentration beeinflusst bzw. bestimmt wird. Die Hybridisierungsreaktion wird vorzugsweise bei relativ niedriger Stringenz im Vergleich zu den Waschschriften durchgeführt (Hybaid Hybridisation Guide, Hybaid Limited,  
25 Teddington, UK, 1996).

Für die Hybridisierungsreaktion kann beispielsweise ein 5x SSC-Puffer bei einer Temperatur von ca. 50°C - 68°C eingesetzt werden. Dabei können Sonden auch mit Polynukleotiden hybridisieren, die weniger als 70%  
30 Identität zur Sequenz der Sonde aufweisen. Solche Hybride sind weniger stabil und werden durch Waschen unter stringenten Bedingungen entfernt. Dies kann beispielsweise durch Senken der Salzkonzentration auf 2x SSC und gegebenenfalls nachfolgend 0,5x SSC (The DIG System User's  
35 Guide for Filter Hybridisation, Boehringer Mannheim,

Mannheim, Deutschland, 1995) erreicht werden, wobei eine Temperatur von ca. 50°C - 68°C eingestellt wird. Es ist gegebenenfalls möglich die Salzkonzentration bis auf 0,1x SSC zu senken. Durch schrittweise Erhöhung der

- 5 Hybridisierungstemperatur in Schritten von ca. 1 - 2°C von 50°C auf 68°C können Polynukleotidfragmente isoliert werden, die beispielsweise mindestens 70% oder mindestens 80% oder mindestens 90% bis 95% Identität zur Sequenz der eingesetzten Sonde besitzen. Weitere Anleitungen zur
- 10 Hybridisierung sind in Form sogenannter Kits am Markt erhältlich (z.B. DIG Easy Hyb von der Firma Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Catalog No. 1603558).

Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe

- 15 der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).
- 20 Es wurde gefunden, daß coryneforme Bakterien nach Abschwächung des mikE17-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren produzieren.

Zur Erzielung einer Abschwächung können entweder die Expression des mikE17-Gens oder die regulatorischen

- 25 Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt oder ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.

Die Verringerung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung oder durch genetische Veränderung (Mutation)

- 30 der Signalstrukturen der Genexpression erfolgen. Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann z.B. in

der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Boyd und Murphy (Journal of Bacteriology 170: 5949 (1988)), bei Voskuil und Chambliss (Nucleic Acids Research 26: 3548 (1998), bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191 (1998)), bei Pátek et al. (Microbiology 142: 1297 (1996)), Vasicova et al. (Journal of Bacteriology 181: 6188 (1999)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990).

Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen, sind aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiele seien die Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Sugimoto et al. (Bioscience Biotechnology and Biochemistry 61: 1760-1762 (1997)) und Möckel („Die Threonindehydrolase aus Corynebacterium glutamicum: Aufhebung der allosterischen Regulation und Struktur des Enzyms“, Berichte des Forschungszentrums Jülich, JüL-2906, ISSN09442952, Jülich, Deutschland, 1994) genannt. Zusammenfassende Darstellungen können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen, Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen („missense mutations“) oder Nichtsinnmutationen („nonsense mutations“) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar (bp) in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen („frame shift mutations“), in

deren Folge falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung 5 derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und 10 Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Eine gebräuchliche Methode, Gene von *C. glutamicum* zu mutieren, ist die von Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 15 9, 84-87 (1991)) beschriebene Methode der Gen-Unterbrechung („gene disruption“) und des Gen-Austauschs („gene replacement“).

Bei der Methode der Gen-Unterbrechung wird ein zentraler Teil der Kodierregion des interessierenden Gens in einen 20 Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise *E. coli*), nicht aber in *C. glutamicum* replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pK18mobsacB oder 25 pK19mobsacB (Jäger et al., Journal of Bacteriology 174: 5462-65 (1992)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994)). Journal of Biological Chemistry 269:32678-84; US-Patent 5,487,993), pCR®Blunt (Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al., 30 Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) oder pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology 173:4510-4516) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zentrale Teil der Kodierregion des Gens enthält, wird anschließend durch Konjugation oder Transformation in den 35 gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Die Methode

der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivnan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross-over"-Ereignisses wird die Kodierregion des betreffenden Gens 5 durch die Vektorsequenz unterbrochen und man erhält zwei unvollständige Allele, denen jeweils das 3'- bzw. das 5'-Ende fehlt. Diese Methode wurde beispielsweise von 10 Fitzpatrick et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 42, 575-580 (1994)) zur Ausschaltung des recA-Gens von C. 15 glutamicum verwendet.

Bei der Methode des Genaustausches („gene replacement“) wird eine Mutation wie z.B. eine Deletion, Insertion oder Basenaustausch in dem interessierenden Gen in-vitro hergestellt. Das hergestellte Allel wird wiederum in einen 20 für C. glutamicum nicht replikativen Vektor kloniert und dieser anschließend durch Transformation oder Konjugation in den gewünschten Wirt von C. glutamicum überführt. Nach homologer Rekombination mittels eines ersten, Integration bewirkenden "cross-over"-Ereignisses und eines geeigneten 25 zweiten, eine Exzision bewirkenden "cross-over"-Ereignisses im Zielgen bzw. in der Zielsequenz erreicht man den Einbau der Mutation bzw. des Allels. Diese Methode wurde beispielsweise von Peters-Wendisch et al. (Microbiology 144, 915 - 927 (1998)) verwendet, um das pyc-Gen von C. 30 glutamicum durch eine Deletion auszuschalten.

In das mikE17-Gen kann auf diese Weise eine Deletion, Insertion oder ein Basenaustausch eingebaut werden.

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren 35 vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des mikE17-Gens eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen

Biosyntheseweges, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus, des Pentosephosphat-Zyklus, des Aminosäure-Exports und gegebenenfalls regulatorische Proteine zu verstärken, insbesondere überzuprimieren.

5 Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene

10 erhöht, einen starken Promotor verwendet oder ein Gen oder Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym (Protein) mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

So kann für die Herstellung von L-Aminosäuren neben der  
15 Abschwächung des mikE17-Gens gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydridopicolinat-Synthase kodierende Gen dapA (EP-B 0 197 335),
- das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat-Dehydrogenase  
20 kodierende Gen gap (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Triosephosphat-Isomerase kodierende Gen tpi (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die 3-Phosphoglycerat-Kinase kodierende Gen pgk  
25 (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf (JP-A-09224661),
- das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende Gen pyc (DE-A-198 31 609),

- das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase kodierende Gen mgo (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395-403 (1998)),
- das für eine feed-back resistente Aspartatkinase 5 kodierende Gen lysC (Accession No.P26512; EP-B-0387527; EP-A-0699759; WO 00/63388),
- das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE (DE-A-195 48 222),
- das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen hom 10 (EP-A 0131171),
- das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen ilvA (Möckel et al., Journal of Bacteriology (1992) 8065- 8072)) oder das für eine "feed back resistente" Threonin-Dehydratase kodierende Allel ilvA(Fbr) (Möckel et al., 15 (1994) Molecular Microbiology 13: 833-842),
- das für die Acetohydroxsäure-Synthase kodierenden Gen ilvBN (EP-B 0356739),
- das für die Dihydroxysäuredehydratase kodierende Gen ilvD (Sahm und Eggeling (1999) Applied and Environmental 20 Microbiology 65: 1973-1979),
- das für das Zwal-Protein kodierende Gen zwal (DE: 19959328.0, DSM 13115)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren

25 vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des mikE17-Gens gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (DE 199 50 409.1, DSM 13047),
- das für die Glucose-6-Phosphat-Isomerase kodierende Gen pgi (US 09/396,478, DSM 12969),

5     • das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (DE:1995 1975.7, DSM 13114),

       • das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 (DE: 19959327.2, DSM 13113)

10 abzuschwächen, insbesondere die Expression zu verringern, gegebenenfalls abzuschwächen.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des mikE17-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: „Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms“, in: Overproduction of Microbial Products, Krumpphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

15 Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung und können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Aminosäuren kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

20 25 30 Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im

Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology“, der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten.

Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie  
5 z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette, wie zum Beispiel Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnußöl und Kokosfett, Fettsäuren, wie zum Beispiel Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie zum Beispiel Glycerin und  
10 Ethanol und organische Säuren, wie zum Beispiel Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff-haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt,  
15 Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

20 Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten, wie zum Beispiel Magnesiumsulfat oder  
25 Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten  
30 Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak

beziehungsweise Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischäummittel, wie zum Beispiel Fettsäurepolyglykolester 5 eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie zum Beispiel Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff-haltige Gasmischungen, wie zum Beispiel 10 Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 15 160 Stunden erreicht.

Methoden zur Bestimmung von L-Aminosäuren sind aus dem Stand der Technik bekannt. Die Analyse kann zum Beispiel so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben durch Anionenaustausch-Chromatographie 20 mit anschließender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen 25 Herstellung von Aminosäuren.

Folgender Mikroorganismus wurde am 06.03.2001 als Reinkultur bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapest Vertrag hinterlegt:

30 • Escherichia coli top10/pCR2.1mikE17int als DSM 14143.

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus Escherichia coli sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al.

(Molecular Cloning. A Laboratory Manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA) durchgeführt. Methoden zur Transformation von Escherichia coli sind ebenfalls in diesem Handbuch beschrieben.

Die Zusammensetzung gängiger Nährmedien wie LB- oder TY-Medium kann ebenfalls dem Handbuch von Sambrook et al.

entnommen werden.

#### Beispiel 1

Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus C. glutamicum ATCC 13032

Chromosomal DNA aus C. glutamicum ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al., (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben,

isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung

Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland,

Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250)

dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1 (Wahl et al. (1987), Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma

Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem

Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02)

gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert.

Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten.

Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no.27-0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt.

Zur Infektion des E. coli Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Res. 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO<sub>4</sub> aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) + 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des Gens mikE17

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany).

Die DNA des Sequenziervektors pZero-1 bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia,

5 Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-  
10 Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschließend in den E. coli Stamm DH5αMCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol. Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 µg/ml Zeocin ausplattiert.

Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden,

20 Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academies of Sciences, U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR  
25 dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product  
30 No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids

35 Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die

Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt.

5 Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25:33893402) gegen die non-redundant Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

10 Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 1425 bp, welches als mikE17-Gen bezeichnet wurde. Das mikE17-Gen kodiert für ein Polypeptid von 474 Aminosäuren.

15 Beispiel 3

Herstellung eines Integrationsvektors für die Integrationsmutagenese des mikE17-Gens

Aus dem Stamm ATCC 13032 wurde nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817 - 1828 (1994))

20 chromosomal DNA isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für C. glutamicum bekannten Sequenz des mikE17-Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase Kettenreaktion ausgewählt (siehe SEQ ID No. 3 und SEQ ID No.4):

mikE17-int1:

25 5` AAT GGA TCA CGA TGT CAC C 3`

mikE17-int2:

5` TAG TGG GTG AAG TGG AAG C 3`

Die dargestellten Primer wurden von der Firma MWG Biotech (Ebersberg, Deutschland) synthetisiert und nach der

30 Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) mit der Taq-Polymerase der Firma Boehringer Mannheim (Deutschland, Produktbeschreibung Taq DNA Polymerase,

Product No. 1 146 165) die PCR Reaktion durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion ermöglichen die Primer die Amplifikation eines 477 bp großen internen Fragmentes des mikE17-Gens. Das so amplifizierte Produkt wurde in 5 einem 0,8%igen Agarosegel elektrophoretisch geprüft.

Das amplifizierte DNA Fragment wurde mit dem TOPO TA Cloning Kit der Firma Invitrogen Corporation (Carlsbad, CA, USA; Katalog Nummer K4500-01) in den Vektor pCR2.1-TOPO (Mead et al. (1991) Bio/Technology 9:657-663) ligiert.

10 Anschließend wurde der E. coli Stamm TOP10 mit dem Ligationsansatz (Hanahan, In: DNA cloning. A practical approach. Vol.I. IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA, 1985) elektroporiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen erfolgte durch Ausplattieren des 15 Transformationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989), der mit 50 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Plasmid-DNA wurde aus einer Transformante mit Hilfe des 20 QIAprep Spin Miniprep Kit der Firma Qiagen isoliert und durch Restriktion mit dem Restriktionsenzym EcoRI und anschließender Agarosegel-Elektrophorese (0,8%) überprüft. Das Plasmid wurde pCR2.1mikE17int genannt und ist in Figur 1 dargestellt.

25 Folgender Mikroorganismus wurde als Reinkultur am 06.03.2001 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapest Vertrag hinterlegt:

- Escherichia coli Top10/pCR2.1mikE17int als DSM 14143.

Beispiel 4

Integrationsmutagenese des mikE17-Gens in dem Stamm DSM 5715

Der in Beispiel 3 genannte Vektor pCR2.1mikE17int wurde  
5 nach der Elektroporationsmethode von Tauch et.al. (FEMS Microbiological Letters, 123:343-347 (1994)) in Corynebacterium glutamicum DSM 5715 elektroporiert. Bei dem Stamm DSM 5715 handelt es sich um einen AEC resistenten Lysin-Produzenten (EP-A-435 132). Der Vektor  
10 pCR2.1mikE17int kann in DSM5715 nicht selbständig replizieren und bleibt nur dann in der Zelle erhalten, wenn er ins Chromosom von DSM 5715 integriert hat. Die Selektion von Klonen mit ins Chromosom integriertem pCR2.1mikE17int erfolgte durch Ausplattieren des Elektroporationsansatzes  
15 auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.), der mit 15 mg/l Kanamycin supplementiert worden war.

Für den Nachweis der Integration wurde das mikE17int-  
20 Fragment nach der Methode "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) mit dem Dig-Hybridisierungskit der Firma Boehringer markiert.  
Chromosomal DNA eines potentiellen Integranten wurde nach  
25 der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817 - 1828 (1994)) isoliert und jeweils mit den Restriktionsenzymen SalI, EcoRI und PstI geschnitten. Die entstehenden Fragmente wurden mittels der Agarosegel-Elektrophorese aufgetrennt und mit dem Dig-Hybridisierungskit  
30 der Firma Boehringer bei 68°C hybridisiert. Das in Beispiel 3 genannte Plasmid pCR2.1mikE17int hatte innerhalb des chromosomalen mikE17-Gens ins Chromosom von DSM5715 inseriert. Der Stamm wurde als DSM5715::pCR2.1mikE17int bezeichnet.

Beispiel 5

## Herstellung von Lysin

Der in Beispiel 4 erhaltene C. glutamicum Stamm

DSM5715::pCR2.1mikE17int wurde in einem zur Produktion von

5 Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt im Kulturüberstand bestimmt.

Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz Agar mit Kanamycin (25 mg/l) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von 10 dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium CgIII verwendet.

## Medium Cg III

NaCl 2,5 g/l

Bacto-Pepton 10 g/l

Bacto-Yeast-Extrakt 10 g/l

Glucose (getrennt autoklaviert) 2% (w/v)

Der pH-Wert wurde auf pH 7.4 eingestellt

Diesem wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur

15 wurde 16 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler inkubiert. Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur angeimpft, so daß die Anfangs-OD (660 nm) der Hauptkultur 0,1 OD betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM verwendet

## Medium MM

CSL (Corn Steep Liquor) 5 g/l

MOPS (Morpholinopropansulfonsäure) 20 g/l

Glucose (getrennt autoklaviert) 50g/l

## Salze:

$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  25 g/l

$\text{KH}_2\text{PO}_4$  0,1 g/l

$\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$  1,0 g/l

$\text{CaCl}_2 \cdot 2 \text{ H}_2\text{O}$  10 mg/l

$\text{FeSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$  10 mg/l

$\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$  5,0mg/l

Biotin (sterilfiltriert) 0,3 mg/l

Thiamin \* HCl (sterilfiltriert) 0,2 mg/l

Leucin (sterilfiltriert) 0,1 g/l

$\text{CaCO}_3$  25 g/l

CSL, MOPS und die Salzlösung werden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschließend werden die sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt, sowie das trocken autoklavierte  $\text{CaCO}_3$  zugesetzt.

5

Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 80% Luftfeuchtigkeit.

10 Nach 72 Stunden wurde die OD bei einer Meßwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann Instruments GmbH,

München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD(660)	Lysin-HCl g/l
DSM5715	7,4	13,05
DSM5715::pCR2.1mikE17int	7,6	15,14

Folgende Figur ist beigefügt:

Figur 1: Karte des Plasmids pCR2.1mikE17int.

Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung.

KmR:	Kanamycin Resistenz-Gen
EcoRI:	Schnittstelle des Restriktionsenzyms EcoRI
PstI:	Schnittstelle des Restriktionsenzyms PstI
SalI:	Schnittstelle des Restriktionsenzyms SalI
mikE17int:	internes Fragment des mikE17-Gens
ColE1:	Replikationsursprung des Plasmides ColE1

## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; Degussa AG

5 &lt;120&gt; Neue für das mikE17-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

&lt;130&gt; 000561 BT

&lt;140&gt;

10 &lt;141&gt;

&lt;160&gt; 4

&lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

15

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1890

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Corynebacterium glutamicum

20

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (252)..(1673)

&lt;223&gt; mikE17-Gen

25

&lt;400&gt; 1

aaccccgttt ggtatcaacc aaaaagtta gacagccaa cttccgatc cagggagcaa 60

30

ctttgcgcag gtgcacacaat tatcccaaca gttgcacccgt aggtgcctaa aaagttcccg 120

ggccggatgt ggcccgcacca cgccgggcac ctgggtggccg cgggctgcgt cgaaaagcga 180

aaatcaacaa gtttgcacaa cctcagtgcc aagagtgtt aagggtatgg tgatcacgt 240

35

atagttgcgc c atg gga aag aca tat gtg ggg tcc agg ctg cgc caa ctg 290  
Met Gly Lys Thr Val Gly Ser Arg Leu Arg Gln Leu

1

5

10

40

cgc cgc gaa aga gac ctg agc cag gca tcc tta gca gca acc ctt ggc 338  
Arg Arg Glu Arg Asp Leu Ser Gln Ala Ser Leu Ala Ala Thr Leu Gly  
15 20 25

45

tta tct gca agt tat gta aat cag att gag cac gac gta cgc ccg ctc 386  
Leu Ser Ala Ser Tyr Val Asn Gln Ile Glu His Asp Val Arg Pro Leu  
30 35 40 45

50

acc gta ccg gtg tta ttg cgc atc acc gag gcg ttc ggc gta gac gca 434  
Thr Val Pro Val Leu Leu Arg Ile Thr Glu Ala Phe Gly Val Asp Ala  
50 55 60

55

acg ttt ttc tcc cgc gac gat gac tcc cgc ctc gcc gag gtc caa 482  
Thr Phe Ser Arg Asp Asp Asp Ser Arg Leu Leu Ala Glu Val Gln  
65 70 75gac gtc atg ctg gac cgg gag atc aat cct gcg aac gtg gag ctg caa 530  
Asp Val Met Leu Asp Arg Glu Ile Asn Pro Ala Asn Val Glu Leu Gln  
80 85 90

gag ctt tcg gag atg gtg tac aac cac ccc caa cta gcg cgc gcg atg Glu Leu Ser Glu Met Val Tyr Asn His Pro Gln Leu Ala Arg Ala Met 95 100 105	578
5 gtg gaa atg cac cag cgt tac cga aac gtg cgc gat aag ttc tcc atc Val Glu Met His Gln Arg Tyr Arg Asn Val Arg Asp Lys Phe Ser Ile 110 115 120 125	626
10 gca gtg gat aat cgc acc aac acg cct gag gaa cgc cgt ccc atc gcg Ala Val Asp Asn Arg Thr Asn Thr Pro Glu Glu Arg Arg Pro Ile Ala 130 135 140	674
15 gag gcc gtg agc atg ccg cac gaa gag gtc cgc gat ttc att tac gcc Glu Ala Val Ser Met Pro His Glu Glu Val Arg Asp Phe Ile Tyr Ala 145 150 155	722
20 cgc caa aac tac ttc gat gcc ctt gac cgc cgc gaa gcc gcc atc gcc Arg Gln Asn Tyr Phe Asp Ala Leu Asp Arg Arg Ala Glu Ala Ile Ala 160 165 170	770
25 gcg caa ctg ggc tgg cag ccg tac gat tcc cgc gcc atg gaa gat tcc Ala Gln Leu Gly Trp Gln Pro Tyr Asp Ser Arg Ala Met Glu Asp Ser 175 180 185	818
30 atc gcc cgc ctc caa atg gat cac gat gtc acc atc acc tcc tcc Ile Ala Arg Arg Leu Gln Met Asp His Asp Val Thr Ile Thr Ser Ser 190 195 200 205	866
35 aaa gag gaa tcc ggc acg ctg cac cac ttc gac ccc gag acg cgt ctg Lys Glu Glu Ser Gly Thr Leu His His Phe Asp Pro Glu Thr Arg Leu 210 215 220	914
40 ctg aca atc cac gca cgc ctc aac ccc ggg caa cgc gcc ttc cgc atg Leu Thr Ile His Ala Arg Leu Asn Pro Gly Gln Arg Ala Phe Arg Met 225 230 235	962
45 gcc acc gaa ctc ggc tac cta gaa gcc aac gac ctc atc gaa ggt atc Ala Thr Glu Leu Gly Tyr Leu Glu Ala Asn Asp Leu Ile Glu Gly Ile 240 245 250	1010
50 gtt gac gac ggc atc tgg tcc acc ccc gaa gcc cgc acc cta gcc atc Val Asp Asp Gly Ile Trp Ser Thr Pro Glu Ala Arg Thr Leu Ala Ile 255 260 265	1058
55 cgc ggt gtg gcc tcc tac ttc gcc gcc gtc atg ctg ccc tac aaa Arg Gly Val Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Val Met Leu Pro Tyr Lys 270 275 280 285	1106
55 atc ttc cac tcc gag gcc gaa aaa tcc ggc tac gac atc gag tac cta Ile Phe His Ser Glu Ala Glu Lys Ser Gly Tyr Asp Ile Glu Tyr Leu 290 295 300	1154
55 ggc caa ctc ttt ggc gtg ggc tat gag aca acc gcc cac cgc ttg tcc Gly Gln Leu Phe Gly Val Gly Tyr Glu Thr Thr Ala His Arg Leu Ser 305 310 315	1202

	acc ctg cag cgc ccc aac ctg cgc ggc atc ccc ttt acc ttc gtg cgc	1250
	Thr Leu Gln Arg Pro Asn Leu Arg Gly Ile Pro Phe Thr Phe Val Arg	
	320 325 330	
5	gtc gac cgc gcc ggc aac atg tcc aaa cgc caa tcc gcc acc ggc ttc	1298
	Val Asp Arg Ala Gly Asn Met Ser Lys Arg Gln Ser Ala Thr Gly Phe	
	335 340 345	
10	cac ttc acc cac tac ggc ggc acc tgc ccc ctg tgg aac gtg ttt gaa	1346
	His Phe Thr His Tyr Gly Gly Thr Cys Pro Leu Trp Asn Val Phe Glu	
	350 355 360 365	
15	acc ttc acc aac ccc ggc caa gtg ctc cgc caa ttc gcg caa atg ccc	1394
	Thr Phe Thr Asn Pro Gly Gln Val Leu Arg Gln Phe Ala Gln Met Pro	
	370 375 380	
20	gac gga cgc aac tac ctg tgg atc tca cgc acc gtg cga cac cac gaa	1442
	Asp Gly Arg Asn Tyr Leu Trp Ile Ser Arg Thr Val Arg His His Glu	
	385 390 395	
25	gcc cgg ttc ggc gaa gta gac aaa atg ttc gcc atc ggc ctg ggc tgc	1490
	Ala Arg Phe Gly Glu Val Asp Lys Met Phe Ala Ile Gly Leu Gly Cys	
	400 405 410	
30	gaa gcg cgc cac gcc gac cgc act gtg tac tcc cgc ggt ttc aac ctc	1538
	Glu Ala Arg His Ala Asp Arg Thr Val Tyr Ser Arg Gly Phe Asn Leu	
	415 420 425	
35	cag gac ctc tcc acc gcc acc ccc atc ggg tcc ggc tgc cga gtg tgc	1586
	Gln Asp Leu Ser Thr Ala Thr Pro Ile Gly Ser Gly Cys Arg Val Cys	
	430 435 440 445	
40	atc aac atc gac gcg cac gaa tcc act atc gcg ccg tac taagaaaagg	1683
	Ile Asn Ile Asp Ala His Glu Ser Thr Ile Ala Pro Tyr	
	465 470	
45	agcttgcttt acgacgcacc ctgcgggggt gggttttacc ttttatgaat gatcagaat	1743
	atcccgctaa acaccatcg tagccagaag aacatcatcc gggcgataa tcagggacca	1803
	ccccgctcgc cctgcgtcga cgttagattcg ctctggaga attgcagact catccaaaaa	1863
	cacgcgggtc ttgttcttct gcccstat	1890
50	<210> 2	
	<211> 474	
	<212> PRT	
	<213> Corynebacterium glutamicum	
55	<400> 2	
	Met Gly Lys Thr Tyr Val Gly Ser Arg Leu Arg Gln Leu Arg Arg Glu	
	1 5 10 15	

Arg Asp Leu Ser Gln Ala Ser Leu Ala Ala Thr Leu Gly Leu Ser Ala  
 20 25 30

Ser Tyr Val Asn Gln Ile Glu His Asp Val Arg Pro Leu Thr Val Pro  
 5 35 40 45

Val Leu Leu Arg Ile Thr Glu Ala Phe Gly Val Asp Ala Thr Phe Phe  
 10 50 55 60

Ser Arg Asp Asp Asp Ser Arg Leu Leu Ala Glu Val Gln Asp Val Met  
 15 65 70 75 80

Leu Asp Arg Glu Ile Asn Pro Ala Asn Val Glu Leu Gln Glu Leu Ser  
 20 85 90 95

Glu Met Val Tyr Asn His Pro Gln Leu Ala Arg Ala Met Val Glu Met  
 25 100 105 110

His Gln Arg Tyr Arg Asn Val Arg Asp Lys Phe Ser Ile Ala Val Asp  
 30 115 120 125

Asn Arg Thr Asn Thr Pro Glu Glu Arg Arg Pro Ile Ala Glu Ala Val  
 35 130 135 140

Ser Met Pro His Glu Glu Val Arg Asp Phe Ile Tyr Ala Arg Gln Asn  
 40 145 150 155 160

Tyr Phe Asp Ala Leu Asp Arg Arg Ala Glu Ala Ile Ala Ala Gln Leu  
 45 165 170 175

Gly Trp Gln Pro Tyr Asp Ser Arg Ala Met Glu Asp Ser Ile Ala Arg  
 50 180 185 190

Arg Leu Gln Met Asp His Asp Val Thr Ile Thr Ser Ser Lys Glu Glu  
 55 195 200 205

Ser Gly Thr Leu His His Phe Asp Pro Glu Thr Arg Leu Leu Thr Ile  
 60 210 215 220

His Ala Arg Leu Asn Pro Gly Gln Arg Ala Phe Arg Met Ala Thr Glu  
 65 225 230 235 240

Leu Gly Tyr Leu Glu Ala Asn Asp Leu Ile Glu Gly Ile Val Asp Asp  
 70 245 250 255

Gly Ile Trp Ser Thr Pro Glu Ala Arg Thr Leu Ala Ile Arg Gly Val  
 75 260 265 270

Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Ala Val Met Leu Pro Tyr Lys Ile Phe His  
 80 275 280 285

Ser Glu Ala Glu Lys Ser Gly Tyr Asp Ile Glu Tyr Leu Gly Gln Leu  
 85 290 295 300

Phe Gly Val Gly Tyr Glu Thr Thr Ala His Arg Leu Ser Thr Leu Gln  
 90 305 310 315 320

Arg Pro Asn Leu Arg Gly Ile Pro Phe Thr Phe Val Arg Val Asp Arg  
 95 325 330 335

	Ala Gly Asn Met Ser Lys Arg Gln Ser Ala Thr Gly Phe His Phe Thr			
	340	345	350	
5	His Tyr Gly Gly Thr Cys Pro Leu Trp Asn Val Phe Glu Thr Phe Thr			
	355	360	365	
	Asn Pro Gly Gln Val Leu Arg Gln Phe Ala Gln Met Pro Asp Gly Arg			
	370	375	380	
10	Asn Tyr Leu Trp Ile Ser Arg Thr Val Arg His His Glu Ala Arg Phe			
	385	390	395	400
15	Gly Glu Val Asp Lys Met Phe Ala Ile Gly Leu Gly Cys Glu Ala Arg			
	405	410	415	
	His Ala Asp Arg Thr Val Tyr Ser Arg Gly Phe Asn Leu Gln Asp Leu			
	420	425	430	
20	Ser Thr Ala Thr Pro Ile Gly Ser Gly Cys Arg Val Cys Thr Arg Glu			
	435	440	445	
	Asn Cys Ala Gln Arg Ala Phe Pro Ser Val His Gly Arg Ile Asn Ile			
	450	455	460	
25	Asp Ala His Glu Ser Thr Ile Ala Pro Tyr			
	465	470		
30	<210> 3			
	<211> 19			
	<212> DNA			
	<213> Corynebacterium glutamicum			
35	<220>			
	<223> Primer mikE17-int1			
	<400> 3			
40	aatggatcac gatgtcacc		19	
	<210> 4			
	<211> 19			
45	<212> DNA			
	<213> Corynebacterium glutamicum			
	<220>			
	<223> Primer mikE17-int2			
50	<400> 4			
	tagtgggtga agtggaaac		19	

## Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das mikE17-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
  - a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
  - b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
  - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
  - d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c) , wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität des Transkriptionsregulators MikE17 aufweist.
2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, enthaltend
  - (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder

5 (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls

(iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

6. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 5, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, 10 daß die Hybridisierung unter einer Stringenz entsprechend höchstens 2x SSC durchgeführt wird.

7. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 1, die für ein Polypeptid kodiert, das die in SEQ ID No. 2 dargestellte Aminosäuresequenz enthält.

15 8. Coryneformen Bakterien, in denen das mikE17-Gen abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet wird.

9. Vektor pCR2.1mikE17int,

20 9.1 dessen Restriktionskarte in Figur 1 wiedergegeben wird, und der

9.2 in dem E.coli Stamm Top10/pCR2.1mikE17int unter der Nr. 14143 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, 25 Braunschweig) gemäß Budapest Vertrag hinterlegt ist.

10. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, 30 daß man folgende Schritte durchführt:

a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure produzierenden coryneformen Bakterien, in denen man zumindest das mikE17-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen abschwächt, insbesondere ausschaltet,

b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium oder in den Zellen der Bakterien, und

c) Isolieren der L-Aminosäure, wobei gegebenenfalls die Biomasse und/oder Bestandteile der fermentationsbrühe in ihrer Gesamtmenge oder Anteilen im so erhaltenen Produkt verbleiben.

10 11. Verfahren gemäß Anspruch 10,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.

15 12. Verfahren gemäß Anspruch 10,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß man Bakterien einsetzt, in denen die  
20 Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung der gewünschten L-Aminosäure verringern.

13. Verfahren gemäß Anspruch 10,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
25 daß man die Expression des (der) Polynukleotides (e),  
das (die) für das mikE17-Gen kodiert (kodieren)  
abschwächt, insbesondere ausschaltet.

14. Verfahren gemäß Anspruch 10,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
30 daß man die regulatorischen Eigenschaften des  
Polypeptids (Enzymprotein) verringert, für das das  
Polynukleotid mikE17 kodiert.

15. Verfahren gemäß Anspruch 10,  
durch gekennzeichnet,  
daß man zur Herstellung von L-Aminosäuren coryneforme  
Mikroorganismen fermentiert, in denen man gleichzeitig  
eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

5           15.1    das für die Dihydrodipicolinat-Synthase  
              kodierende Gen dapA,

10          15.2    das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat-  
              Dehydrogenase kodierende Gen gap,

15          15.3    das für die Triosephosphat-Isomerase kodierende  
              Gen tpi,

             15.4    das für die 3-Phosphoglycerat-Kinase kodierende  
              Gen pgk,

             15.5    das für die Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase  
              kodierende Gen zwf,

             15.6    das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende Gen  
              pyc,

             15.7    das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase  
              kodierende Gen mgo,

20          15.8    das für eine feed-back resistente  
              Aspartatkinase kodierende Gen lysC,

             15.9    das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE,

             15.10    das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende  
              Gen hom,

25          15.11    das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen  
              ilvA oder das für eine feed back resistente  
              Threonin-Dehydratase kodierende Allel  
              ilvA(Fbr),

15.12 das für die Acetohydroxysäure-Synthase kodierende Gen ilvBN,  
15.13 das für die Dihydroxysäuredehydratase kodierende Gen ilvD,  
5 15.14 das für das Zwal-Protein kodierende Gen zwal verstärkt bzw. überexprimiert.

16. Verfahren gemäß Anspruch 10, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, daß man zur Herstellung von L-Aminosäuren coryneforme 10 Mikroorganismen fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe  
16.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck,  
16.2 das für die Glucose-6-Phosphat-Isomerase kodierende Gen pgi,  
15 16.3 das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB  
16.4 das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 abschwächt, insbesondere ausgeschaltet.

17. Coryneforme Bakterien, die einen Vektor enthalten, der Teile des Polynukleotids gemäß Anspruch 1, mindestens aber 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der beanspruchten Sequenz, trägt.  
20  
18. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t, daß man Mikroorganismen der Art Corynebacterium 25 glutamicum einsetzt.

19. Verfahren zum Auffinden von RNA, cDNA und DNA, um  
Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene  
zu isolieren, die für den Transkriptionsregulator  
MikE17 kodieren oder eine hohe Ähnlichkeit mit der  
5 Sequenz des mikE17-Gens aufweisen,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß man das Polynukleotid, enthaltend die  
Polynukleotidsequenzen gemäß den Ansprüchen 1, 2, 3  
oder 4, als Hybridisierungssonden einsetzt.

10

**Zusammenfassung**

Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

5    a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

10   b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,

15   c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

20   d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),  
und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen zumindest das mikE17-Gen abgeschwächt vorliegt, und die Verwendung von Polynukleotiden, die die erfindungsgemäßen Sequenzen enthalten, als Hybridisierungssonden.